

## MICROSATELLITE POLYMORPHISM IN NORTHERN NATURAL POPULATIONS OF *ARABIDOPSIS THALIANA* (L.)

M. V. Gritskikh, O. M. Fedorenko

*Institute of Biology of Karelian Research Centre  
Russian Academy of Sciences, Petrozavodsk*

**Summary.** The level of genetic variability in natural populations of *Arabidopsis thaliana*, occupying northern limits of the species' range, was evaluated with help of five microsatellite loci. It is suggested that the high level of *Arabidopsis* population polymorphism in Karelia is due to extreme environmental conditions in the northern part of the species range.

## ВЗАИМОСВЯЗЬ ГЕНОВ *SUP45* И *VTS1* В ДРОЖЖАХ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

А. М. Кондрашкина, А. П. Галкин, А. А. Нижников

Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург

alex\_sandra2502@mail.ru

Ранее мы показали, что сверхэкспрессия гена *VTS1* в дрожжах *Saccharomyces cerevisiae* вызывает супрессию нонсенс-аллелей *ade1-14<sub>UGA</sub>* и *trp1-289<sub>UAG</sub>*, т. е. рост штаммов на средах без добавления аденина или триптофана [1]. В данной работе мы исследовали механизм, за счет которого сверхэкспрессия *VTS1* вызывает супрессорный фенотип.

Для объяснения этого эффекта можно было выдвинуть две основные гипотезы. С одной стороны, наблюдаемая нонсенс-супрессия могла быть следствием повышения количества мРНК генов *ADE1* и *TRP1*. С другой стороны, нонсенс-супрессию может вызывать снижение эффективности терминации трансляции. С помощью обратной транскрипции с последующей полимеразной цепной реакцией в реальном времени мы установили, что уровень мРНК *ADE1* достоверно не отличается при сверхэкспрессии и при нормальной экспрессии *VTS1*. Таким образом, сверхэкспрессия *VTS1* не влияет на количество мРНК *ADE1*. Посредством метода бицистронной люминесценции, позволяющего оценить активность люциферазы, последовательность которой содержит стоп-кодона *ade1-14<sub>UGA</sub>* и *trp1-289<sub>UAG</sub>*, было установлено, что сверхэкспрессия *VTS1* вызывает снижение эффективности терминации трансляции. Мы предположили, что действие *VTS1* на терминацию трансляции может быть обусловлено

взаимодействием продукта этого гена с компонентами трансляционного аппарата. У дрожжей *S. cerevisiae* выявлено два фактора терминации трансляции — eRF1, который кодируется геном *SUP45*, и eRF3 — продукт гена *SUP35*. Поскольку Vts1 является РНК-связывающим белком, можно предположить, что этот ген прямо или опосредованно регулирует пул мРНК *SUP35* и (или) *SUP45*. Анализируя полимеразную цепную реакцию в реальном времени, мы установили, что на фоне сверхэкспрессии гена *VTS1* достоверно снижается количество мРНК гена *SUP45*, тогда как количество мРНК *SUP35* остается неизменным. Полученные данные позволяют сделать вывод о том, что сверхэкспрессия *VTS1* ведет либо к снижению экспрессии самого гена *SUP45*, либо приводит к на деградации мРНК *SUP45*. Следует отметить, что последовательность мРНК *SUP45* не содержит сайтов связывания для Vts1, поэтому можно предположить, что действие сверхэкспрессии *VTS1* на *SUP45* опосредовано дополнительными факторами, которые могут быть идентифицированы в ходе дальнейшей работы.

В данном исследовании нами впервые показано, что сверхэкспрессия *VTS1* снижает эффективность терминации трансляции путем уменьшения количества мРНК гена *SUP45*, кодирующего фактор терминации трансляции eRF1.

## Литература

1. Nizhnikov A. A., Magomedova Z. M., Rubel A. A., Kondrashkina A. M., Inge-Vechtomov S. G., Galkin A. P. [NSI+] determinant has a pleiotropic phenotypic manifestation that is modulated by SUP35, SUP45, and VTS1 genes // Current Genetics. 2012, Vol.58, P.35–47.

### THE INTERRELATION BETWEEN *SUP45* AND *VTS1* IN *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

A. M. Kondrashkina, A. P. Galkin, A. A. Nizhnikov  
St. Petersburg University, St. Petersburg

**Summary.** Overexpression of *VTS1* gene in *Saccharomyces cerevisiae* leads to suppression of nonsense-mutations *ade1-14<sub>UGA</sub>* and *trp1-289<sub>UAG</sub>*, which enhances growth of yeast cells on media without adenine and tryptophan. We showed that suppression was caused by downregulation of *SUP45* gene, which encodes translation termination factor eRF1.

Работа выполнена за счет средств тематического плана НИР СПбГУ и при поддержке ФЦП «Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009–2013 годы (Госконтракт № П1354) гранта администрации Санкт-Петербурга для студентов и аспирантов.